

## RESUMEN

Autor [Lértora Briceño, B.](#)  
Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Facultad de Ciencias](#)  
Título **Análisis de los niveles de expresión de los genes iaaH y C-prot de Agrobacterium spp. encontrados en el genoma de Ipomoea batatas L. "camote" (cv. Jewel)**  
Impreso Lima : UNALM, 2018

### Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	<a href="#">F30. L4 - T</a>	USO EN SALA
Descripción	90 p. : 28 fig., 40 tablas, 120 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Biólogo)	
Bibliografía	Facultad : Ciencias	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	<a href="#">IPOMOEA BATATAS</a> <a href="#">GENOMAS</a> <a href="#">AGROBACTERIUM</a> <a href="#">GENES</a> <a href="#">DESARROLLO BIOLÓGICO</a> <a href="#">CRECIMIENTO</a> <a href="#">BIOTECNOLOGÍA VEGETAL</a> <a href="#">FITOMEJORAMIENTO</a> <a href="#">EVALUACION</a> <a href="#">PERU</a> <a href="#">CAMOTE CV. JEWEL</a> <a href="#">NIVELES DE EXPRESION</a> <a href="#">GENES IAAH</a> <a href="#">GENES C-PROT</a>	
Nº estándar	PE2018000546 B / M EUVZ F30	

El camote (*Ipomoea batatas* Lam) es actualmente el séptimo cultivo más importante en el mundo con más de 106 millones de toneladas anuales de producción. *Agrobacterium* es un género de bacterias que causan la formación de tumores en una gran variedad de plantas, incluyendo el camote, y estas infecciones son mediadas por plásmidos que llevan un fragmento de DNA denominado DNA de transferencia o "T-DNA". Se han encontrado secuencias del T-DNA de *Agrobacterium* integradas naturalmente en el genoma del camote cultivado (Kyndt et al., 2015) y resulta interesante un análisis de las expresiones de los genes encontrados. Con este objetivo, se cuantificó mediante RT-qPCR en tiempo real la expresión de los genes *iaaH* (Indol-3-Acetoamida Hidrolasa) y *C-prot* (C-protein) encontrados en *I. batatas* L. "camote" (cultivar Jewel) provenientes del T-DNA de *Agrobacterium* spp. Las expresiones relativas fueron analizadas en cuatro tejidos: ápice, hojas, raíces y raíces tuberosas durante el desarrollo de la planta (divididos en periodos del uno al ocho, con intervalos de tomas de muestra cada 15 días). Se observó que el gen *iaaH* tuvo una sobreexpresión con respecto al control en los tejidos de raíz y raíz reservante, en el tejido de hoja hubo mucha variación en la expresión y, en el tejido apical, una menor expresión durante toda la etapa de desarrollo. En el caso del gen *C-prot*, hubo una sobreexpresión con respecto al control en el tejido de hoja durante el crecimiento de la planta, en el tejido apical hubo un aumento de expresión durante el último mes de observación, mientras que en los tejidos de raíz y raíz reservante hubo una menor expresión durante toda la etapa de desarrollo de la planta.

## **Abstract**

Sweet potato (*Ipomoea batatas* Lam) currently ranks as the seventh most important crop in the world with more than 106 million tons in annual production. *Agrobacterium* is a genus of bacteria that can infect and cause the formation of tumors in a wide variety of plants, including sweet potato. These infections are mediated by plasmids that carry a DNA fragment called transfer DNA or "T-DNA". Sequences of the *Agrobacterium* T-DNA have been found naturally integrated into the genome of untransformed sweet potato cultivars (Kyndt et al., 2015) and it's interesting to do an analysis of the expressions of the genes found. With this objective, the expression of the *iaaH* (Indole-3-Acetoamide Hydrolase) and C-prot (Cprotein) genes found in *Ipomoea batatas* L. "camote" (Jewel cultivar) from the T-DNA of *Agrobacterium* spp. was quantified by real-time RT-qPCR. The relative expressions were analyzed in four tissues: apical shoot, leaves, roots and storage roots during plant development (divided into time points one to eight, each consisting of 15 days intervals). It was observed that the *iaaH* gene had an up-regulation in comparison with the control in the root and storage root tissues, the leaf tissue contained many variations in the expression while the apical tissue had a lower expression during the entire development stage. In the case of the C-prot gene, there was an up-regulation in comparison with the control in the leaf tissue during the growth of the plant, and in the apical tissue there was an increase in expression during the last month of observation, whereas the roots and storage root tissues had less expression during the entire stage of plant development.